

Szaporaságra ható gének (*LEP*, *PRLP*, *ESR*, *BF*, *EGF*, *FSH-β*, *H2A.Z*) polimorfizmus vizsgálatainak rövid áttekintése sertésben

Baginé Hunyadi Ágnes – Balogh Péter – Kusza Szilvia

Debreceni Egyetem Mezőgazdaság-, Élelmiszertudományi és Környezetgazdálkodási Kar,
Állattudományi, Biotechnológiai és Természetvédelmi Intézet, Debrecen
hunyadi@agr.unideb.hu

ÖSSZEFOGLALÁS

Világszerte kutatások folynak a sertések szaporaságának javítására a marker alapú szelekció (MAS) felhasználásával. Jelen tanulmány hét gén polimorfizmus vizsgálatának kutatásait dolgozta fel. A kísérletek eredményei azt mutatták, hogy a leptin gén (*LEP*), a prolaktin receptor gén (*PRLP*), az ösztrogén receptor gén (*ESR*), a properdin kódoló fehérje gén (*BF*), az epidermális növekedési faktor gén (*EGF*), a folliculus-stimuláló béta gén (*FSH-β*) és a *H2A* hiszton család *Z* tagja gén (*H2A.Z*), illetve ezek alléljai pozitív hatással vannak a különböző fajtájú sertések szaporasági mutatóira. Ezen túlmenően a *LEP* hatással van a testfelépítésre, a hústermelésre és a test zsírosodására is. Egyre nő azon kutatások száma, amelyek génpolimorfizmus vizsgálattal, a sertésitenyésztés gyorsabb genetikai előrehaladását teszik lehetővé.

Kulcsszavak: sertés, genetikai polimorfizmus, markerek segítette szelekció, mutáció, szaporaság

SUMMARY

Researches are being performed around the world to increase swine prolificacy by using marker-assisted selection (MAS). The present study processes researches of polymorphism examinations on 7 genes. The result of the experiments showed that the leptin gene (*LEP*) prolactin receptor gene (*PRLP*), estrogen receptor gene (*ESR*), properdin B (*BF*) epidermal growth factor (*EGF*), follicle-stimulating beta gene (*FSH-β*) and Z member of the *H2A* histon family gene (*H2A.Z*) and their alleles have a positive effect on reproductive characteristics of different swine breeds. In addition to this, leptin gene (*LEP*) influences the build, meat production and growth of body fat. Further studies are concerned with the polymorphism of an increasing number of genes, which enables a faster genetic development of swine breeding.

Keywords: swine, genetic polymorphism, marker assisted selection, mutation, fertility

BEVEZETÉS

A húsféléknek a növekvő világnépesség élelmiszer igényének kielégítésében jelentős szerepe van. A világ jóléti társadalmában is egyre több húst fogyasztanak. A fejlett országokban a hús biztosítja az energia bevitel 16%-át, a fehérjefogyasztás 30%-át, a zsírfelvétel 26%-át. A hús fontos forrása a szervesen tápláló anyagoknak és jelentős szerepe van a szervezet A- és B-vitamin kiszolgáltatásában is (Net4).

Az emberiség táplálék ellátásában a sertéshús kiemelt fontosságú, világszinten a húsfogyasztás mintegy 37%-át a sertéshús adja. A sertésállomány létszáma a világon megközelítőleg 1 milliárd darab. Az OECD FAO előrejelzése szerint a világ sertéshús-termelése a 2014. évi adatok összesítése után várhatóan meghaladja a 116 millió tonnát, amely megelőzi a marha, baromfi, juh- és kecskehús termelést. Jelenleg a világon az előállított sertéshús 80%-át három régió termeli meg: Kína (52%), az Európai Unió 28 tagállama (20%) és az USA (9%). 2023-ra a prognosztizált sertéshús-termelés 127 millió tonna világviszonylatban (Net2). 2020-ig évi 2%-os fogyasztásnövekedés várható, melynek fő helyszíne Ázsia és Dél-Amerika lesz, ezek a növekedési tendenciák esélyt jelentenek a magyar sertéságazatnak is. A minőség javításával, a gabonára alapozott hizlalással, magas élvezeti értékű, magas szinten feldolgozott, minőségi termékek értékesítésével megvalapozható a termelés növelése.

Hazánkban a sertésállomány létszáma a KSH 2014. június 30-i adatai szerint 3 millió 95 ezer darab, ami az előző évhez képest 200 000 darab (7%) növekedést

mutat. Az állomány összetétele: 6,5% koca, 40% hízó, a fennmaradó arányt a süldő és malac létszám teszi ki. A sertésállomány országon belüli megoszlása azt mutatja, hogy Közép-Magyarországon található az állomány 7%-a, Dunántúlon 36%-a, az alföldi és észak-magyarországi megyékben 57%-a.

Magyarországon a sertéshús-termelés fejlesztésének szükségessége aligha vitatható. Hazánkban a lakosság hagyományosan sertéshús-fogyasztó, az egy főre jutó 56 kg/fő húsfogyasztásból a sertéshús 25 kg-ot tesz ki (Net3). A minőségi sertéshús-termelés növelésére elsősorban a belföldi, várhatóan újra növekvő fogyasztás kielégítése érdekében van szükség, de számottevő szerepet kaphat újból az exportban is, továbbá az idegenforgalom fejlesztése révén keletkező többletigény kielégítésében.

Az ország földrajzi adottságai alkalmasak a sertéstartásra, annak fejlesztésére. Az abrakakarmányok versenyképesen termelhetők, a sertéslétszám emelkedésével növelhető lenne a hüvelyes abrakakarmányok termelésének volumene. Nagy szerepet játszhat a hazai gabonafeleslegek állati termékké történő értéknövelő átalakításában, amelyben a sertésitenyésztés kiemelkedő ágazat. Magyarországon az állattenyésztés környezetet terhelő hatása elenyésző számos nyugat-európai nagy sertésexportőr országhoz képest (pl. Hollandiához viszonyítva alig 15%-os).

A hazai sertésitenyésztés távlati fejlődését és fejlesztését kizárólag a hatékonyság és a magas minőségi követelmények teljesítése mellett remélhetjük. Hazánk adottságai 6–7 milliós sertésállomány tartós fenntartását teszik indokoltá és szükségessé.

A sertésállomány növelésének egyik forrása a szaporasági mutatók javítása. Míg Nyugat-Európa fejlett sertéságazattal rendelkező országaiban egy koca szaporulata évente 27–31 malac, addig Magyarországon ez 21–24 darab. Ennek az értékmérő tulajdonságnak a genetikai alapjait az utóbbi években több ország kutatócsoportja vizsgálta, miután a direkt-szelekcióval elérhető genetikai előrehaladás igen lassú. A MAS növelheti ennek hatékonyságát (Zöldág, 2008). A sertés teljes genomterképe szinte teljes egészében elkészült, azonban a gének, markerek, QTL-ek felderítése folyamatos. Az egyes tulajdonságokat leginkább befolyásoló gének genetikai információinak megismerése jelentős segítséget nyújt a tenyésztők számára (Cloup et al., 2003; Mindenková et al., 2010b). Az eddigi kutatási eredmények alapján célirányos szelekcióval a sertés termelési mutatói javíthatóak. Ezen felül akár egy tulajdonságcsoportra is fókuszálhatnak, mint például a szaporasággal összefüggő mutatókra (Uimari et al., 2011).

Jelen tanulmányunkban hét szaporasággal összefüggésbe hozott gén polimorfizmus vizsgálatának főbb eredményeit kívántuk összefoglalni.

Leptin gén (*LEP*)

A szaporaságra számos gén – közvetett vagy közvetlen módon – hatással van. Ezek közé tartozik a leptin, mely a fehér zsírszövetben termelődik. Egyik fontos élettani szerepe, hogy a metabolikus szignálmechanizmus részeként informálja a tápláltsági állapotról az ivari működést szabályzó, a hypothalamusban lokalizált neuronokat. Villalba et al. (2009) a leptin gén 3. exonján lévő mutációt (*C3469T*) vizsgálták. Kapcsolatot kerestek a duroc sertés 160, 180, 215 és 225 napos kori testsúly, bőr alatti zsírszalonna, ágyékizom vastagsága, és az izomban lévő zsír mennyisége és összetétele, valamint a mutáció között. Megállapították, hogy az ágyékizom vastagsága és az izomban levő zsírtartalom növekszik a sertés életkorával összefüggő leptin szint emelkedésével.

Két különböző allélját azonosították a *LEP* génnek, a T-t és a C-t. Elemezték a *LEP* gén kapcsolatát az összes született malac, az élve született malac, valamint a választott malacok számára lengyel nagy fehér és lapály kocáknál. Az elemzések azt mutatták, hogy a különböző *LEP* genotípusú kocák esetében az összes született malac, az élve született malac és a választott malacok számának alakulása kis eltérést mutatott, ami statisztikailag nem volt szignifikáns (Terman, 2005). Ugyancsak lengyel nagy fehér és lengyel lapály állományban a G allél gyakoriságát 0,93-ra, az A allél gyakoriságát 0,07-re becsülték. A vizsgált sertéspopulációban a GG genotípusok 0,88 frekvenciaértéket, a heterozigóták (AG) -0,11 és a homozigóta (AA) genotípusúak -0,01 gyakoriságát mutattak. Hasonlóan a 2005-ben kapott eredményekhez, az AA genotípusú kocák esetében növekedett legnagyobb mértékben az alomszám az AG és GG genotípusú kocákhoz képest, azonban ez a különbség statisztikailag nem volt szignifikáns (Terman et al., 2008).

A korai vemhesség morfológiai, metabolikus és endokrin funkcióinak vizsgálata rávilágított arra, hogy a zigóta növekedése és életképessége összefüggésben van az anya hormonális és anyagcsere-funkcióival. Ezek a

jellemzők kapcsolatban állnak a vaszkuláris endotél növekedési faktor-A és a leptin gén placentáris expressziójával. A magzat növekedését, táplálását és metabolizmusát a placenta állapota, a placentáris génexpresszió, az anyai hormonok és a metabolikus hatások befolyásolják (Gonzalez-Bulnes et al., 2012). A méhen belüli növekedési retardációt (*IUGR*) a nem megfelelő hőszabályozás kísérheti, különösen azoknál a malacoknál, amelyek nem rendelkeznek barna zsírszövettel.

Mostyn et al. (2014) kutatási eredményei szerint a leptin ösztönözheti a hőtermelést, azonban ez a válaszreakció még nem ismert. Az alacsony *IUGR* szintű újszülött nőivarú malacok esetében – exogén módon stimulálva a leptint – a gén elősegítheti a testhőmérséklet emelkedését.

Sertésnél a leptin hormon a szaporasági tulajdonságok mellett kulcsfontosságú a takarmányfelvétel és a zsírmétabolizmus irányításában, így jelentős hatása lehet a hústermelésre és a húsmínőségre Bokori (2000) szerint, valamint a súlygyarapodásra és a hátszalonna vastagságra (Van der Lende et al., 2005). A duroc fajtában a leptin gén *C867T* pontmutáció vizsgálata során hasonló eredményre jutott Chen et al. (2004). A leptin hormonn kívül a molekuláris genetikai vizsgálatokban gyakran vizsgálják a leptin receptor génjének (*LEPR*) polimorfizmusát. A *LEPR* – a hústermelés és testfelépítés meghatározásának elsődleges génje – a sertés 6. kromoszómáján helyezkedik el. A leptin receptor génjének polimorfizmusa a leptin hormon szerkezetben betöltött szerepét és a működését jelentősen befolyásolhatja Óvilo et al. (2005), valamint Mindenková et al. (2010a) megállapítása szerint.

A *LEP* koncentráció összefüggésben van a melanokortin-4 receptor (*MC4R*) szintjével, mely bizonyítottan részt vesz a táplálkozási viselkedés kialakításában, valamint a növekedésre és a hátszalonna vastagságára lehet szignifikáns hatása. Ezáltal a leptin jelentős szerepet játszik a takarmányfelvétel és a testtömeg egyensúlyának fenntartásában (Kim et al., 2000; Piórkowska et al., 2010; Tao, 2010). Miután bebizonyosodott, hogy a *LEPR* és *MC4R* génpolimorfizmusok szerepet játszanak az étvágy szabályozás mechanizmusában – ezáltal közvetett módon a zsírtartalom szintjét is befolyásolják – újabb kérdésként merült fel, hogy kocák esetében a két gén polimorfizmusa hatással van-e a kolosztrum és a tej összetevőire. Két lengyel sertésfajta vizsgálata során a kapott eredmények azt mutatták, hogy a megfigyelt mutáció (*G/A 1426 MC4R*) jelentős hatással volt elsősorban a kolosztrum zsír- és szilárdanyag-tartalmára. A kapott eredmények arra utalnak, hogy ezek a gének a tej minőségének javításában genetikai markerként használhatóak a sertésszelekcióban (Szyndler-Nędza et al., 2013). Az *MC4R*, a *LEP* és a *H-FABP* gének polimorfizmusának együttes elemzése során a kapott eredmények azt mutatták, hogy a hátszalonna és a sovány hús százalékos arányára az *MC4R/TaqI* átlagon felüli hatással nem bír. A domináns homozigóta (AA) genotípusú állatok esetében a *LEP/HinfI* lókuszon alacsonyabb értéket mutattak a napi súlygyarapodásra vonatkozóan a recesszív homozigóta (BB) és a heterozigóta (AB) genotípusúakkal szemben. A *H-FABP/HaeIII* lókuszon sovány húshoz kapcsolódó százalékos aránya a domináns homozigóta

(DD) genotípusú állatok esetében magasabb volt a recesszív homozigóta (dd) genotípusúakhoz képest. Bebizonyosodott, hogy két vagy több gén komplex, együttes hatásának vizsgálatával a tenyésztés szempontjából kedvező tulajdonságú genotípussal rendelkező egyedek biztonságosabban kiválaszthatóak lennének (Chao et al., 2012).

Egyes tanulmányok szerint az *MC4R* 1426 A>G és *LEPR* 2002 C>T polimorfizmusa összefüggésben van a sertések takarmányfelvételével, a test fejlődésével, valamint zsírosságával. Muñoz et al. (2011) által az egy pontos nukleotid polimorfizmussal (SNP) azonosított *MC4R* 1426 A>G allélnak nem volt szignifikáns hatása a duroc és ibériai keresztezett sertésfajták termelési és minőségi tulajdonságaira. A *LEPR* 2002 C>T genetikai vizsgálata hasznos lehet a duroc tenyészállatok kiválasztásánál, hogy csökkentsék a duroc és az ibériai keresztezett sertésfajtáknál a hasított súly szempontjából nemkívánatos heterogenitását egyedeket.

A mangalica populáció leptin-rezisztenciát mutat Georgescu et al. (2014) eredményei alapján, ellentétben a duroc, a belga lapály és a nagy fehér fajtákkal szemben. Ez összefüggésben lehet az erre a fajtára tipikus morfológiai és produktív jellemzőkkel, mint például az átlag alatti szaporaságra és az erős zsírfelhalmozódási tendenciára.

Prolaktin receptor gén (*PRLP*)

Számos sertésfajnál vizsgálták, hogy található-e összefüggés a prolaktin receptor gén és az alomszám között, illetve megfigyelhető-e nagyobb alomméret valamely allél polimorfizmusa esetén.

Egyes kutatások szerint a nagy fehér és a lapály fajták esetében a megszületett malacsza-
mát a prolaktin receptor gén szignifikánsan növeli, a többlet 0,1–0,8 malac/fialás. A koca egymást követő alomszámainak vizsgálatánál azonban a *PRLP* gén alomszámra gyakorolt hatása nagy szórást mutat, -0,15 és +1,8 közötti érték az alomszám-változás (Short et al., 1997; Van Rens et al., 2000). Mangalica fajtában pozitív összefüggést találtak az A allél és az alomszám között, tehát a gén polimorfizmust mutatott. Több malacot fialtak azok az egyedek, amelyek A alléljában a polimorfizmus megjelent összehasonlítva a B allél polimorfizmusát hordozókkal. A legnagyobb alomméret az AA genotípusú sertéseknél volt (Árnyasi, 2001).

Német sertésfajtákon és hibriden végzett kísérleteket (német lapály, duroc és hibrid: duroc x nagy fehér) Drogemüller et al. (2001). Megállapították, hogy lapály fajtában az A allélnak volt pozitív hatása az alomméretre, míg durocban a B allélnak volt hasonlóan pozitív hatása. Hasonló eredményt kapott Van Rens et al. (2000) is, akik nagy fehér x meishan keresztezett kocákat vizsgáltak és az A allél hatását találták kedvezőnek az alomméret növekedésével összefüggésben. Ezt az eredményt támasztották alá Kmiec és Terman (2006) vizsgálatai is. Duroc fajta esetében azt tapasztalták, hogy a BB genotípus mutatta a kedvezőbb szaporodási eredményeket (Hamann et al., 2000; Kmiec et al., 2001).

A nagy fehér (LW), a dán lapály (LD) és lapály x yorkshire x duroc keresztezéséből származó kocák (LxYxD) szaporaságára, növekedésére, valamint a hús-

termelésre gyakorolt hatásának vizsgálata során bebizonyosodott, hogy a BB genotípusú kocák esetében volt a legjobb arányú az élve született malacok száma. A nagy fehér sertés esetében +1,9 db malac/koca, a dán lapály esetében +0,7 malac/koca. Az átlagos napi súlygyarapodás az AB genotípusú dán lapály kocáknál volt a legjobb, a hizlalási idő 3,1 nappal kevesebb a többi genotípushoz képest. A lapály-yorkshire-duroc keresztezett fajtánál az AA genotípusú kocák átlagos hátszalonna-vastagsága 1,7 mm-rel kisebb volt, a félsertés hasított súlya 0,5 kg-mal nagyobb (Mikhaïlov et al., 2014).

A *PRLR* receptor A és B allélját azonosította Terman (2005) lengyel nagy fehér és lapály kocáknál. Elemezte a *PRLR* hatását az összes született malacok számára, az élve született malacok számára, valamint a választott malacok számára. Az elemzések azt mutatták, hogy az AA genotípusú, *PRLR* előhasi kocákban az alomszám szignifikánsan magasabb volt az AB és BB genotípusúakhoz képest. A legnagyobb alomszámot a domináns homozigóta (AA) genotípusúaknál figyelték meg, azonban a különbség statisztikailag nem volt szignifikáns. Kínai kutatók (Xing-Ping et al., 2008) pekingi fekete sertés kocák genotipizálása során ugyancsak két különböző allélját azonosították a génnek: A (0,25) és B (0,75). Figyelembe véve a genotípus alomnagyságra gyakorolt hatását a kocák első és a további fialásaira vonatkozóan arra a következtetésre jutottak, hogy a *PRLR* receptor gén lókusza marker gén lehet, amely hatást gyakorol a pekingi fekete disznók alomméretére, és ez használható lehet az állatállományok reproduk-
tív jellemzőinek genetikai javítására marker alapú szelekció segítségével.

Ösztrogén receptor gén (*ESR*)

Kínai meishan sertésfajta vizsgálati eredményeivel támasztották alá kutatók (Rothschild et al., 1996), hogy az ösztrogén receptor lókusza-
n egy specifikus allél növeli a sertés alomszámát. A meishan nőivarú sertések 50%-ánál az alomszám-növekedés hátterében egy kedvező homozigóta allél volt tapasztalható, ami az első fialásnál 2,3 darabbal több malacot, míg az ezt követő fialásoknál átlagosan 1,5 utóddal többet eredményezett. Ezt a kedvező *ER* allélt a nagy fehér fajtában is megtalálták. A nagy fehér kocák elemzésénél is bebizonyosodott az előbbieken említett homozigóta allél kedvező hatása az alomszám növekedésére, mely átlagosan egy malaccal növelte az alomszámot fialásonként. Az *ER* gén feltérképezésével a kutatók rámutattak arra, hogy meishan és nagy fehér fajtáknál marker alapú szelekcióval biztonsággal lehet kiválasztani a jó genetikai tulajdonságú egyedeket.

A jó szaporaságú nagy fehér és lapály fajtában az ösztrogén receptor gén az alomszámot 0,21 db malaccal növelheti. Kutatók a meishan és a különböző nagy fehér és lapály fajták keresztezéseinek alomszámra vonatkozó eredményeinél dupla, akár tripla annyi (0,4–2,3) többletmalacról számoltak be (Drogemüller et al., 1998; Short et al., 2011). Cseh nagy fehér sertéseknél az ösztrogén receptor lókusza jelentősen befolyásolta az első fialáskori szaporaságot. A fialások átlagában az A allél felülmuta a B allélt. Az első fialásnál az AA kocáknál megközelítőleg 0,5-tel több volt az élve szü-

letett malacok száma almonként, mint a BB kocáknál. A fialások átlagában ez a különbség 0,25-re csökkent. A választáskori alomsúly tekintetében nem volt megfigyelhető az *ESR* lokusz által szignifikánsan additív hatás. Az *ESR* a polimorfizmusra nem gyakorolt pleiotrópikus hatást az átlagos napi súlygyarapodásra vagy a színhús-százalékra vonatkozóan (Goliásová és Wolf, 2004). A hazai sertésállományokban az ösztrogén receptor gén alomnagyságra gyakorolt hatását dr. Fésüs László molekuláris genetikai laboratóriumának munkacsoportja is igazolta. Nagy fehér fajtákban – többek között a magyar nagy fehér fajtában – az *ESR* BB típusú kocák esetében nagyobb az összes és az élve született, valamint a választott malacok száma, mint AA és AB genotípusú kocákban (Net1).

A sertéshústermelés gazdasági sikere jelentős mértékben függ a reprodukciós hatékonyságtól. A reprodukciós hatékonyság egyik komponense az ovulációs ráta, amely befolyásolja az egyszerre született malacok számát. Genomszintű asszociációs vizsgálattal bebizonyosodott, hogy az *SSCX* régióban kandidáns gének vannak jelen: az ösztrogén receptor 1 gén, a növekedési-differenciálódási 9-es faktor és a β A inhibin. Ezek a mennyiségi tulajdonságokat meghatározó lokuszok – a gének információit hordozva – ugyanabban a régióban találhatóak, így hasznos információt nyújtanak a sertéstenyésztésben a marker alapú szelekció vagy a genetikai szelekció alkalmazása során (Schneider et al., 2014). A multiplex PCR amplifikációval Ye et al. (2009) bemutattak két lokuszt, a pre-implantációs protein (*prei3*) és az ösztrogén receptor (*ESR*) szimultán genotipizálását. Az eredmények a módszer hasznos mivoltára mutattak rá. A sertéstenyésztési programokban mindkét lokusz széles körű, egyidejű genotipizálása megbízhatóbb eredményt nyújt, és a vizsgálat költségeit is csökkenti (Ye et al., 2009; Chao et al., 2012).

Properdint kódoló fehérje (*BF*)

A *BF* gén properdint kódoló fehérje, amely fontos szerepet játszik a méh epithéliumának növekedésében, illetve számos más génnel együtt egyedi reprodukciós vonásokért felelős a mennyiségi tulajdonság kialakításában szerepet játszó kromoszóma-régiókban (QTL-régió). Hatással van a sertések nemi jellegére, valamint a genotípusban különböző kocák alomméretére.

Buske et al. (2005) szerint az általuk vizsgált polimorfizmusban van egy intronikus régió, ami mutációt okoz, ezáltal befolyásolhatja a sertés populáció alomszám növekedését. A BB genotípusú kocák magasabb összes- és élve született malacszaámot produkáltak, mint az AA típusú kocák. Az AB genotípusúak köztes értéket mutattak.

Marantidis et al. (2013) a *BF* gént görögországi sertésállományban elemezték. Ez a tanulmány rámutatott arra, hogy a heterozigóta genotípussal rendelkező kocák statisztikailag szignifikánsan alacsonyabb értéket mutattak a homozigóta genotípusú kocákkal szemben ($p < 0,05$). A kutatók eredményei alátámasztják azt a feltevést, hogy a *BF* gén azon gének csoportjába tartozik, amelyek befolyásolják a kocák alomméretét, így tehát a *BF* gén használható lehet az állatállományok proliferációs jellemzőinek genetikai javítására marker alapú szelekció segítségével.

Epidermális növekedési faktor (*EGF*)

Az *EGF* szerepet játszhat a sertések izomfejlődésében a növekedés egyes fejlődési szakaszaiban. Kanadai kutatók mRNS szinten vizsgálták az epidermális növekedési faktort (*EGF*), az epidermális növekedési faktor receptorát (*EGFR*), és a fibroblaszt növekedési faktort (*bFGF*) négy, sertésből származó szövetben (hasnyálmirigy, máj, vázizom, vese), 90 napos foetális és 180 napos posztnatális kor közötti időszakban. Az eredmények arra mutattak rá, hogy az *EGF*, *EGFR* és a *bFGF* a sertés egyes fejlődési szakaszaiban szövet-specifikusan szabályozva van. A hasnyálmirigyben az *EGF*, *EGFR* és a *bFGF* mRNS szintje magas volt a magzati és újszülött korban, azt követően pedig csökkenés volt megfigyelhető. A vesében és a vázizomban az *EGF* mRNS szintje az életkor előrehaladtával növekedett (Peng et al., 1997). Az *EGF*, az *AREG* és a *LIF* gének mutációi és a sertések reprodukív jellemzői közötti kapcsolatot két lengyel sertésfajta (nagy fehér és lapály) kocáinak tulajdonságai tekintetében vizsgálták: élve született malacok száma, élő malacok száma 21 napos korú malacok száma, a kocák életkora az első fialáskor, valamint az eltelt intervallum a két egymást követő alom között. Statisztikailag szignifikáns különbségeket találtak az *EGF* lokuszaiban: a BB genotípusú kocáknál – a többi genotípussal szemben – magasabb volt az élve született malacok száma, valamint az életben maradt malacok száma a 21. napon (Mucha et al., 2013).

Az ösztrogénhez hasonlóan a sejt- és a szövet-felépülést szolgálja, a kollagén- és elasztin-merevség ellen hat a genistein, amely egy szójababból kivont fitohormon. Farmer et al. (2010) a fitoösztrogén genistein esetleges szerepét vizsgálták ivarérett kor előtti süldőkben az emlőmirigyek, a hormonális állapot és a csontreszorpció fejlődésében. Azt tapasztalták, hogy a szójjával kiegészített étrendes kezelés nem változtatta meg az epidermális növekedési faktor (*EGF*) és az epidermális növekedési faktor receptor (*EGFR*) tanszkriptciós szintjét.

Follikulus-stimuláló béta gén (*FSH-β*)

Folliculus-stimuláló béta hormon (*FSH-β*) első intronjának polimorfizmusát, valamint annak az *FSH-β* génre gyakorolt hatását vizsgálták különböző fajtájú sertésekben. Vérből izoláltak DNS-t három kínai és két európai sertésfajtából. Az eredmények megerősítették, hogy a fő transzkriptum a rövid köztes nukleotid elem (*SINE*). A *SINE*- allél a heterozigóta sertésekből származott, de a *SINE*+ allélt nem detektálták. Ezek az adatok arra mutattak rá, hogy a *SINE* inszerció negatívan regulálja az *FSH-β* gén expresszióját, valamint rávilágítottak arra, hogy a szaporodáshoz kapcsolódó domináns jellegű karakter öröklődik a heterozigóta sertésfajtákban (Liu et al., 2009). Kínai kutatók (Li et al., 2008) nagy fehér és meishan F2 utódokat vizsgáltak annak feltárására, hogy a mikroszatellit *FSHBMS* polimorfizmusa milyen hatással van a sertés szaporási tulajdonságaira vonatkozóan. Az eredmények magasabb alomszaámot és élve született malacszaámot mutattak. Az említett gén hatással van az elválasztáskori

malacsámra, az elválasztáskori alomsúlyra, és az elválasztáskori egyedi súlyra.

H2A hiszton család Z tagja (*H2A.Z*)

Zhang et al. (2009) kutatási eredményei alátámasztották, hogy a *pH2AFZ* gén szerepet játszik az alomméret változásában, illetve a marker alapú szelekcióhoz számos információval szolgálhat. Ezen gén vizsgálatával kapcsolatban még kevés tanulmány áll rendelkezésre. A kísérleti eredmények alapján a szaporasági tulajdonságokra történő hatékony szelekcióban ez a gén is alapul szolgálhat és további kutatásokat érdemel.

KÖVETKEZTETÉSEK

A sertések szaporasági mutatóinak javítása a MAS segítségével a sertéshús-előállítás növelésének egyik lehetséges módja lehet hazánkban is. A genetikai polimorfizmusok feltárása lehetőséget ad arra, hogy a tenyészállatok kiválasztása a leghatékonyabban és költségkímélő módon történjen. A világ számos országában több sertésfajta vonatkozásában folynak vizsgálatok. A tapasztalatok sokszínűek, azonban a kísérletek számával egyenes arányban gyarapodnak azok a statisztikailag alátámasztható objektív eredmények, amelyeket felhasználva az előállított sertéshús mennyisége világszinten növelhető.

IRODALOM

- Árnyasi M. (2001): Molekuláris genetikai vizsgálatok a gazdasági állatfajok termelési eredményének javítása érdekében. Debreceni Egyetem. Agrártudományi Közlemények. 1: 92–96.
- Bokori J. (2000): A leptin szerepe az élettani folyamatok szabályozásában és a takarmányozásban. Magyar Állatorvosok Lapja. 122: 436–441.
- Buske, B.–Brunsch, C.–Zeller, K.–Reinecke, P.–Brockmann, G. (2005): Analysis of properdin (*BF*) genotypes associated with litter size in a commercial pig cross population. Journal of Animal Breeding and Genetics. 122. 4: 259–263.
- Chao, Z.–Wang, F.–Deng, C. Y.–Wei, L. M.–Sun, R. P.–Liu, H. L.–Liu, Q. W.–Zheng, X. L. (2012): Distribution and linkage disequilibrium analysis of polymorphisms of *MC4R*, *LEP*, *H-FABP* genes in the different populations of pigs, associated with economic traits in DIV2 line. Mol. Biol. Rep. 39. 5: 6329–6335.
- Chen, M.–Wang, A.–Fu, J.–Li, N. (2004): Different allele frequencies of *MC4R* gene variants in Chinese pig Breeds. Archiv für Tierzucht. 5: 463–468.
- Clop, A.–Óvilo, C.–Perez-Enciso, M.–Cercos, A.–Tomas, A.–Fernandez, A.–Coll, A.–Folch, J. M.–Barragan, C.–Diaz, I.–Oliver, M. A.–Varona, L.–Silio, L.–Sanchez, A.–Noguera, J. L. (2003): Detection of QTL affecting fatty acid composition in the pig. Mammalian Genome. 14: 650–656.
- Drogemüller, C.–Hamann, H.–Distl, O. (2001): Candidate gene markers for litter size in different German pigs lines. J. Anim. Sci. 79: 2565–2570.
- Drogemüller, C.–Thieven, U.–Harlizius, B. (1998): An Aval and a *MspI* polymorphism at the porcine estrogen receptor I (*ESR*) gene. Anim. Genet. 28: 59.
- Farmer, C.–Palin, M. F.–Gilani, G. S.–Choudhary, R. K.–Capuco, A. V. (2010): Dietary genistein stimulates mammary hyperplasia in gilts. Source of the Document Animal. 4. 3: 454–465.
- Georgescu, S. E.–Manea, M. A.–Dinescu, S.–Costache, M. (2014): Comparative study of leptin and leptin receptor gene expression in different swine breeds. Genet. Mol. Res. 13. 3: 7140–7148.
- Goliášová, E.–Wolf, J. (2004): Impact of the *ESR* gene on litter size and production traits in Czech Large White pigs. International Society for Animal Genetics. Animal Genetics. 35: 293–297.
- Gonzalez-Bulnes, A.–Torres-Rovira, L.–Óvilo, C.–Astiz, S.–Gomez-Iguierdo, E.–Gonzalez-Anover, P.–Pallares, P.–Perez-Solana, M. R.–Sanchez-Sanchez, R. (2012): Reproductive, endocrine and metabolic fetomaternal features and placental gene expression in a swine breed with obesity/leptin resistance. General and Comparative Endocrinology. 176: 94–101.
- Hamann, H.–Drogemüller, C.–Krieter, J.–Presuhn, U.–Wallenburg, J.–Distl, O. (2000): Genetic markers for litter size in German pig breeds. 51th Annual meeting of EAAP. Haga. Netherlands. http://miau.gau.hu/osiris/content/docs/atk/fesus_jan.html
- Kim, K. S.–Larsen, N.–Short, T.–Plastow, G.–Rothschild, M. F. (2000): A missense variant of the porcine melanocortin-4 receptor (*MC4R*) gene is associated with fatness, growth, and feed intake traits. Mammalian Genome. 11: 131–135.
- Kmiec, M.–Dybus, A.–Terman, A. (2001): Prolactin receptor gene polymorphism and its association with litter size in Polish Landrace. Arch Tierz Dummerstorf. 44: 547–551.
- Kmiec, M.–Terman, A. (2006): Associations between the prolactin receptor gene polymorphism and reproductive traits of boars. J. Appl. Genet. 47: 139–141.
- Li, F. E.–Mei, S. Q.–Deng, C. Y.–Jiang, S. W.–Zuo, B.–Zheng, R.–Li, J. L.–Xu, D. Q.–Lei, M. G.–Xiong, Y. Z. (2008): Association of a microsatellite flanking *FSHB* gene with reproductive traits and reproductive tract components in pigs. Czech Journal of Animal Science. 53. 4: 139–144.
- Liu, J. J.–Ran, X. Q.–Li, S.–Feng, Y.–Wang, J. F. (2009): Polymorphism in the first intron of follicle stimulating hormone beta gene in three Chinese pig breeds and two European pig breeds. Animal Reproduction Science. 369–375.
- Marantidis, A.–Papadopoulos, A. I.–Michailidis, G.–Avdi, M. (2013): Association of *BF* gene polymorphism with litter size in a commercial pig cross population. Animal Reproduction Science. 141: 75–79.
- Mikhailov, N. V.–Usatov, A. V.–Getmantseva, L. V.–Bakoev, S. I. (2014): Associations of *PRLR/AluI* gene polymorphism with reproductive, growth and meat quality traits in pigs. Tsitol Genet. 48. 5: 60–64.
- Mindeková, S.–Trandzik, J.–Fecková, M.–Buleca, J.–Maróti J.–Agóts R.–Massányi P.–Zöldág L. (2010b): Az *IGF2* gén genetikai struktúrája és variabilitása a szlovák házisertés fajtákban és a vaddisznóban. Magyar Állatorvosok Lapja. 132: 81–84.
- Mindenková, S.–Trakovická, A.–Trandzik, J.–Buleca, J. R.–Maróti J.–Agóts Á.–Jakabová, D.–Massányi P.–Zöldág L. (2010a): A szülők *LEPR* és *H-FABP* genotípusának összefüggése az ivadékok húsának zsírtartalmával sertésben. Magyar Állatorvosok Lapja. 132: 14–21.
- Mostyn, A.–Attig, L.–Larcher, T.–Dou, S.–Chavatte-Palmer, P.–Boukthir, M.–Gertler, A.–Djiane, J. E.–Symonds, M.–Abdennebi-Najar, L. (2014): UCP1 is present in porcine adipose tissue and is responsive to postnatal leptin. J. Endocrinol. 223. 1: M31–38.

- Mucha, A.–Ropka-Molik, K.–Piórkowska, K.–Tyra, M.–Oczkiewicz, M. (2013): Effects of *EGF*, *AREG* and *LIF* genes polymorphisms on reproductive traits in pigs. *Animal Reproduction Science*. 137: 88–92.
- Muñoz, G.–Alcázar, E.–Fernández, A.–Barragán, C.–Carrasco, A.–de Pedro, E.–Silió, L.–Sánchez, J. L.–Rodríguez, M. C. (2011): Effects of porcine *MC4R* and *LEPR* polymorphisms, gender and Duroc sire line on economic traits in Duroc x Iberian crossbred pigs. *Meat Sci*. 88. 1: 73–169.
- Net1: ÁTK Molekuláris Genetikai Laboratórium – Dr. Fésüs László: Az ösztrogén receptor gén (*ESR*) és hatása az alomnagyságra sertésekben.
- Net2: <http://stats.oecd.org/viewhtml.aspx?QueryId=58643&vh=0000&vf=0&l&il=&lang=en>
- Net3: <http://www.ksh.hu>
- Net4: Dubleczy Károly (2011): Állati termékek táplálkozás-élettani szerepe. Pannon Egyetem. http://www.tankonyvtar.hu/hu/tartalom/tamop425/0059_allati_termek_tapl_elettani_szerepe/ch04s02.html
- Óvilo, C.–Fernández, A.–Noguera, J. L.–Barragan, C.–Leton, R.–Rodriguez, C.–Mercade, A.–Alves, E.–Folch, J. M.–Varona, L.–Toro, M. (2005): Fine mapping of porcine chromosome 6 *QTL* and *LEPR* effects on body composition in multiple generations of an Iberian by Landrace intercross. *Genetics Research*. 85: 57–67.
- Peng, M.–Palin, M. F.–Véronneau, S.–LeBel, D.–Pelletier, G. (1997): Ontogeny of epidermal growth factor, *EGF* receptor and basic fibroblast growth factor mRNA levels in pancreas, liver, kidney, and skeletal muscle of pig. *Domestic Animal Endocrinology*. 14. 5: 286–294.
- Piórkowska, K.–Tyra, M.–Rogoz, M.–Ropka-Molik, K.–Czkowicz, O. M.–Rozycki, M. (2010): Association of the melanocortin-4 receptor (*MC4R*) with feed intake, growth, fatness and carcass composition in pigs raised in Poland. *Meat Science*. 85: 297–300.
- Rothschild, M.–Jacobson, C.–Vaske, D.–Tuggle, C.–Wang, L.–Short, T.–Eckardt, G.–Sasaki, S.–Vincent, A.–McLaren, D.–Southwood, O.–Steen, H.–Mileham, A.–Plastow, G. (1996): The estrogen receptor locus is associated with a major gene influencing litter size in pigs. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*. 93: 201–205.
- Schneider, J. F.–Nonneman, D. J.–Wiedmann, R. T.–Vallet, J. L.–Rohrer, G. A. (2014): Genomewide association and identification of candidate genes for ovulation rate in swine. *J. Anim. Sci*. 92. 9: 3792–3803.
- Short, T. H.–Rothschild, M. F.–Southwood, O. I.–McLaren, D. G.–Vries, A.–Steen, H.–Eckardt, G. R.–Tuggle, C. K.–Helm, J.–Vaske, D. A.–Mileham, A. J.–Plastow, G. S. (2011): Effect of the estrogen receptor locus on reproduction and production traits in four commercial pig lines. *J. Anim. Sci*. 75: 3138–3142.
- Short, T. H.–Rothschild, M. F.–Southwood, O. I.–McLaren, D. G.–de Vries, A.–van der Steen, H.–Eckardt, G. R.–Tuggle, C. K.–Helm, J.–Vaske, D. A.–Mileham, A. J.–Plastow, G. S. (1997): Effect of the estrogen receptor locus on reproduction and production traits in four commercial pig lines. *J. Anim. Sci*. 75: 3138–3142.
- Szyndler-Nędza, M.–Tyra, M.–Ropka-Molik, K.–Piórkowska, K.–Mucha, A.–Różycki, M.–Koska, M.–Szulc, K. (2013): Association between *LEPR* and *MC4R* genes polymorphisms and composition of milk from sows of dam line. *Mol. Biol. Rep*. 40. 7: 4339–4347.
- Tao, Y. X. (2010): The Melanocortin-4 Receptor: Physiology, pharmacology, and pathophysiology. *Endocrine Reviews*. 31: 506–543.
- Terman, A.–Kmieć, M.–Polasik, D.–Heuven, H. C. M. (2008): Punktuelle mutation am Leptin-Gen (*LEP*) und reproduktionsmerkmale bei sauen (Point mutation of the Leptin-Gene and reproduction characteristics in sows). *Source of the Document Tierärztliche Umschau*. 63. 10: 554–556.
- Terman, A. (2005): Effect of the polymorphism of prolactin receptor (*PRLR*) and leptin (*LEP*) genes on litter size in Polish pigs. *Original Article*.
- Uimari, P.–Sirén, A.–Sevón-Aimonen, M. L. (2011): Whole-genome *SNP* association analysis of reproduction traits in the Finnish Landrace pig breed. *Genetics Selection Evolution*. 43: 42.
- Van der Lende, T.–Pasm, T. F. W.–Veerkamp, R. F.–Liefers, S. C. (2005): Leptin gene polymorphisms and their phenotypic associations. *Vitamins and Hormones*. 71: 373–404.
- Van Rens, B. T.–Hazeleger, W.–Van Der Lende, T. (2000): Periovulatory hormone profiles and components of litter size in gilts with different estrogen receptor (*ESR*) genotypes. *Theriogenology*. 53: 1357–1387.
- Villalba, D.–Tor, M.–Vidal, O.–Bosch, L.–Reixach, J.–Amills, M.–Sanchez, A.–Estany, J. (2009): An age-dependent association between a leptin *C3469T* single nucleotide polymorphism and intramuscular fat content in pigs. *Livestock Science*. 121: 335–338.
- Xing-Ping, W.–Li-Xian, W.–Zhuo-Ma, L. R.–Shi-Duo, S. (2008): Analysis of *PRLR* and *BF* Genotypes Associated with Litter Size in Beijing Black Pig Population. *Agricultural Sciences in China*. 7. 11: 1374–1378.
- Ye, L. Z.–Niu, B. Y.–Luo, L. F.–Shao, G. C. Mei, S. Q.–Deng, C. Y.–Jiang, S. W.–Xiong, Y. Z.–Li, F. E. (2009): Simultaneous identification and combined genotype effects analysis of pre-implantation protein 3 (*prei3*) and estrogen receptor (*ESR*) gene in pigs. *Livestock Science*. 125: 80–83.
- Zhang, Y. H.–Mei, S. Q.–Peng, X. W.–Zuo, B.–Lei, M. G.–Xiong, Y. Z.–Li, F. E. (2009): Molecular cloning and polymorphism of the porcine *H2AFZ* gene. *An International Journal of Animal Bioscience China*. 779–782.
- Zöldág L. (2008): A szaporaság genetikai alapjai emlős háziállatokban. *Aweth Különszám*. 4. 2: 474–482.